

54 TGT	108 GGA G	162 CTG L	216 AAT N	270 CTG L	324 GGA 3	378 GAT D
CAG	GCA	AGT S	ACC	ACT	ACA	rta
CTT	ATG M	TGG W	TTG	ATG	GAA	3CT
45 CCC	99 ATG M	153 TCC S	207 TTC F	261 AAG K I	315 GAG -	369 ACT (
36 45 AGA GAG AGC CCC	90 99 108 TTA GAA GGC TGA AAG ATG ATG GCA GGA M M A G	153 162 TTC AGC TCC TGG AGT CTG F S W S L	180 189 198 207 216 GAG GAA ATG AAA GCA TTA GAA GCA GAT TTC TTG ACC AAT E E M K A L E A D F L T N	261 270 TCT TGG AAG ATG ACT CTG S W K M T L	288 297 306 315 324 AGT CTT GTA AAT TTG AAC AGC CCA GCT GAG GAA ACA GGA S L V N N L N S P A E E T G	342 351 360 369 378 GAG GAG CTT GTT GCA AGA AGG AAA CTT CCT ACT GCT TTA GAT E E L V A R R K L P T A L D
GAG	TGA	TTC F	GCA A	TCT	CCA .	CTT
36 AGA	90 96	117 126 135 144 AAA ATC CAG CTT GTA TGC ATG CTA CTC CTG GCT 'K I Q L V C M L L L A R	198 GAA E	243 252 AGT AAA GCA CAT GTT CCC S S K A H V P	306 AGC S	360 AAA K
CCT	GAA	$_{\rm L}^{\rm cTG}$	TTA L	GTT V	AAC N	AGG
27 GGA AGT		CTC	GCA A	CAT H	TTG	AGA R
27 . GGA	81 GGC TTG	135 CTA L	189 AAA K	243 GCA A	297 AAT N	351 GCA A
GAA AGA	299	ATG M	ATG M	AAA K	AAT N	GTT
GAA	CTT	TGC	GAA E	AGT	GTA V	CTT
18 AAG	72 GGA	126 GTA V	180 GAG E	234 ATT I	288 CTT L	342 GAG E
CTG	TAC	$_{\rm L}^{\rm CTT}$	GAA E	AAG . K	AGT	GAG
CAG	TTT	CAG Q	TCA	TCA	TGC	GAA E
9 CAA AGC CAG	63 GAC	117 ATC I	171 GAT D	225 ACA T	279 GTT V	333 CAT GAA (H E
CAA	TCT	AAA K	TCA	CAT H	AAT	GTT
5' NNT	CCT	ATG	TGC	ATG	CTA	GAA
5.						·

FIGURE 1A

DOGGOTTES

423 432 CTC CAC AAA ATC TGT CAC L H K I C H	486 GAT ACT GGA D T G	540 CTG L	594 GAT D	648 ATC
TGT C	ACT T	ATT I	AGA R	TTC
ATC I	GAT D	TAT Y	AAA K	648 TGA TTC ATC
423 : AAA K	450 459 468 477 CAC TGG GAG TTA ATC CAG GAA GAT ATT CTT H W E L I Q E D I L	531 540 CCT TAT ATT CTG P Y I L	585 594 TAC ATA CTC AAA AGA GAT Y I L K R D	639 TTG
CAC H	ATT I	ATT I	ATA	TGA
CTC L	GAT D	513 522 GTC ATA AAG AGA AAA ATT V I K R K I	TAC Y	ATG
414 CAG (Q I	468 GAA E	522 AGA R	576 CCC P	630 TAC ATG
TAC Y	CAG Q	AAG K	AGA R	ATT
ATA	ATC I	ATA	AGA R	TTT ATT
405 ACA T	459 TTA L	513 GTC V	567 CCC P	621 TCA
396 405 GAA GCA ATG TTG ACA ATA TAC E A M L T I Y	GAG	504 GGA AAG GAA GAA G K E E	558 567 GAG AAT AAA CCC AGA AGA E N K P R R	AAA
ATG	TGG W	GAA E	AAT N	AAT
396 GCA A	450 CAC H	504 AAG K	558 GAG E	612 GAG AAT AAA
GAA E	CAA	GGA	TAT Y	TGA
TTG (TTT F	AAT N	$^{ m CTG}_{ m L}$	TAC Y
387 AGC s	441 GCT A	495 AAA AAT K N	549 CAG Q	603 TAT Y
TTT F	AGG R	AAT GAC A	CGG R	TAC
9 299	AGC .	AAT N	AAA K	S

FIGURE 1B

ATC TGT CTC TTC TAC AAT TGT GGT TTA TTG AAT GTG ATT TTT CTG CAC TAA TAT

657 684 693 702 ATC CCT TAA TTA AAT ATC AAA TTA TAT TTG TGT GAA AAT GTG ACA AAC ACA CTT

DOGETHER DEDOGE

810 GTG	864 TGC	918 AGC	972 AAA	1026 3 AAA	1080 A AAG	1134 F ATT	1188 3 GAC	1242 A ATA
GTT	TTT	ACC	CCA	1026 TTG AAA	1080 GAA AAG	1134 GTT ATT	1188 ATG GAC	12 GAA A
TGT	TAA	TAT	CAC	GAA	TAG	ATT (TTA)	AAA 0
801 TGA	855 TTG	909 TTT	963 ATT	1017 TTT ATG	1071 CAA TTA			
TCA GCA	GTT	ATA	ATC	1TTT	1 CAA	1125 TGA ACT	1179 GAC CTG	1233 AAA AAT
TCA	AAT	TTG	CAT	TCT	TCT	TAA	TTT	AAA
792	846 TAT	900 TGT	954 CTG	1008 ACT GAA	1062 TGA ATC	1116 ATT GAT TAA		
' AAA	CTG	AAA	AGC				1170 GGA TTT	1224 CAA TAG
TCT	CAC	TCA	CCT	TTG	TCA	AAG	ACT	
783 AAA	837 AGT	891 CAG	945 AAG	999 ATT	1053	1107 AGC TGA AAG	1161 CAT TGA ACT	1215 CTT GAC CTC
TCA AAT	TTA	AAA	GCA	ATT	1 ACT	1 AGC	1 CAT	$^{ m 1}_{ m CTT}$
	TAA	TTT	ACA	TTT	AAG	AAC	TGA	
774 TTT	828 TAT	882 TTG	936 ACT	990 TCT	1044 CTT TTC AAG	1098 AAT AGG AAC	1152 AAT GAA TGA	1206 AGG
GTG	AGA	GAG	AGT	229	CIT	1 AAT	1 AAT	1206 AGA AGG ACA
765 GAC TAA	819 TGG AGT	CTT	CAA	AGC	GTT	TAA	TTT	
		873 TAT	927 GCT	981 AAT	1035 ACA TAC GTT	1089 TTG TGA TAA	1143 TAT	1197 GCT
TTA	AAT	ACA	TGA	AGT	, ACA	$_{ m TTG}$	1143 TCC TAT	1197 GTA GCT ATT
AAA	TAT	AAA	TTA	CAA	GAA	TTA	ACT	ITG

FIGURE 1C

DOORYMAN DEDOOR

1296	1350
A AGA AAA	: GGA GCG
1287	1341
AGA AAA AGA AAA	CCG GGA ATT TTC
1278	1332
AAT CAG AAG	AAC CAA TAC
1269	1323
ATA AAA TAA	CAC CAT AAG
1260	1314
ATA AAA GTA A	GGG GGG ACA (
1251	1305
AAA AGA AGT	GTA AAA AGA

A 3

FIGURE1D

MAGMKIQLVCMLLLAFSSWSLCSDSEEEMKALEADELTNIMAGMKIQLVCMILLAFSSWSLCSDSEEEMKALEADLLTNIMIAI-GMNLOLVCHTLLAFSSWSLCSDSEEDVRALEADLLTNIMIATSKISKAHVPSWKMTLLNVCSLVNLNSPAEETGEVHEIMIAKVSKASKOSL	E E L VARRKL PITALDGFSLEAMLTIYQLHKICHSRAFOHWE EE LITRRKEPAALDGFSLEAMLTIYQLHKICHSRAFOHWE D DL VAKRKL PLVLDDFSLEALLLIVFQLOKICHSRAFOHWE	LIQEDILDTGNDKNGKEEVIKRKIPYILKRQLYENKPRRP LIQEDILDAGNDKNEKEEVIKRKIPYILKRQLYENKPRP IIQEDILDHGNEKTEEVIKRKIPYILKRQLYENKPRP	
1 MMAGMKIQLVCMLLLAFSSWSLCSDSEEEMKAL1 MI-LGMKIQLVCMILLAFSSWSLCSDSEEEMKAL1 MI-LGMNLLLAFSSWSLCSDSEEEMKAL1 MIT-LGMNLLLAFSSWSLCSDSEEDVRAL4 MHTSKISKAHVPSWKMTLLNVCSLVNNLNSPAE 40 MHTSKISKAHVPSWKMTLLNVCSLINNLNSPAE 40 MHTSKISKACO	81 EELVARRKLPTALDGFSLEA	121 LIQEDILD TGNDKNGKEEVIKRKIPYILKR	161 Y I L K R D S Y Y Y
	80 EEUTARKEPAALDGFSLEA	120 LIQEDILDAGNDKNEKEEVIKRKIPYILKR	160 Y I L K R G S Y Y Y
	80 DDLVAKRKLPLVLDDFSLEA	120 ILQEDILDHGNEKTEKIRKIPYILKR	160 Y I L K R A S Y Y Y

FIGURE 2